第 38 卷 第 4 期 1995 年 11 月
昆虫学报 ACTA ENTOMOLOGICA SINICA
Vol. 38, No. 4 Nov., 1995

抗杀螟硫磷二化螟的抗性遗传力研究*

韩启发 庄佩君 唐振华
(中国科学院上海昆虫研究所 上海 200025)

摘要 应用数量遗传学的方法分析了水稻二化螟(*Chilo suppressalis*)对杀螟硫磷抗药性的遗传力,并就遗传力和杀虫剂的杀死率对抗性发展速率的影响进行了预测。研究结果表明:二化螟对杀螟硫磷抗性的遗传力较低($h^2 = 0.277$),产生高抗性的潜力不大。即使在室内选择的条件下,要获得 10 倍的抗性约需要 6—12 代;在野外条件下则需要更长的时间(15—32 代)。因此,结合抗性变化动态的监测结果,我们认为在野外条件下二化螟是不致于产生高抗性,杀螟硫磷仍不失为二化螟抗性治理系统中有效品种之一。

关键词 二化螟,抗性,杀螟硫磷,遗传力,抗性风险评估

害虫抗药性治理作为害虫抗性研究的最终目的之一,是目前抗性研究领域中最为活跃的方面。在过去的四五十年中,人们通过抗性机理、抗性遗传方式和计算机模拟等方面的大量研究工作,明确了影响抗性发展的各类因子,并对它们的作用作了直接或间接的评估[1,2],这为开展抗性风险评估奠定了基础。所谓抗性风险即野外农药(包括杀虫剂、杀菌剂和除草剂等)抗性发生的潜力[3]。要就害虫对某一杀虫剂产生抗性的潜在能力作出正确的评估包括多方面的研究工作,其中害虫抗性的遗传特点、抗性发生的机理和交互抗性谱等则是最主要的方面。但由于对杀虫剂抗性的遗传特征理解上的局限性,使得我们对害虫抗性治理和预示抗性动态发展的研究受到了限制[4]。

近几年来在国外日益受到重视的害虫抗性的数量遗传学研究为人们提供了更为广阔的视野。数量遗传学分析方法的根本在于不是将抗性性状视为一种质量性状,而认为是一种"阈性状",该性状的表达与环境因子和具有一个或多个等位基因的单基因座或多基因座的作用相关,因而不受基因数量和抗性发生的机理等限制。通过这方面的研究可以对抗性遗传变异的速率、变异的潜在范围以及与抗性相关的适合度性状遗传变异的方向、速率等作出预测。

有关受选择性状遗传力的分析方法有多种,包括同胞分析法[5,6]、列联分析法[7]和通过致死中量(LD_{50})与累加选择差数的回归分析法等[8]。这里我们则主要根据 Tabashnik[9]发展的机率值分析方法来估算形成抗性的个体耐药能力或耐药性分布的平均数和方差,以此求得可实现的遗传力值。本文以水稻二化螟(*Chilo suppressalis*)为研究对象,用杀螟硫磷进行逐代筛选,了解二化螟抗杀螟硫磷的狭义遗传力,并对不同选择强度下种群的可能选择反应作出预测,从而对高抗性发生的风险作出简要评估。

---

* 本研究为国家"八五"攻关课题"二化螟抗药性测报技术研究"中的一部分。

本文于 1993 年 11 月收到。

1 材料和方法

1.1 供试药剂

使用的杀虫药剂的有效含量以及提供厂商如下：杀螟硫磷，97.5%，德国 Bayer 公司；马拉硫磷，95%，宁波农药厂；敌百虫，98%，上海农药厂；甲胺磷，90.2%，苏州化工厂；甲基对硫磷，90.8%，苏州化工厂；敌敌畏，97.3%，德国 Bayer 公司；杀虫双，纯品，贵州化工研究所；巴丹，原粉，日本武田工业株式会社。

1.2 抗性筛选和生物测定

1.2.1 起始种群　采集于上海市郊芦笛的水稻田。为了避免因小样本导致抗性基因的遗漏，起始种群足够大(>1 000 头)。

1.2.2 抗性筛选　采用浸渍法逐代以 LC_{70} 的浓度对二化螟 3 龄幼虫进行杀螟硫磷抗性的选育。处理后 24h 去除死亡幼虫。

1.2.3 生物测定　应用点滴法将 1 μl 的药液（按等比或等差浓度级）点滴于 6 龄幼虫的中胸背板，受药后用适量饲料在 28℃、16h 光照条件下恢复 48h 后检查死亡率。测定数据用依 Finney 的机率值分析法编制的软件求出毒力回归线、LD_{50} 和 95% 置信限及 χ^2 值等。

1.3 遗传力（h^2）的估算

可实现的遗传力（h^2）则主要根据 Tabashnik[9] 的分析方法，其公式为：$h^2 = R/S$，式中 R 为被选择种群的选择反应；S 为选择差数[10]。

这里选择反应 R 所代表的是被选择亲本的子代的平均表现型值与被选择亲本之间的平均表现型值差异。选择差数 S 代表的是被选择后的亲代与选择前亲代的平均表现型值的差异。前者可根据选择前后的 LC_{50} 的变化求得，后者则由选择强度 i 及表现型的平均离差 δ_p 即选择前后毒力回归线的斜率共同决定。

1.4 抗性发展速率的预测

根据以上遗传力的公式可得：$R = h^2S$，如果假定用药剂选择后抗性提高了 10 倍，那么所需要的代数 G 为 R 的倒数值，即 $G = R^{-1}$。我们选择了不同的选择强度，即药剂对害虫的杀死率分别达 50%、60%、70%、80% 和 90% 的情况下抗性增加 10 倍所需的代数进行了预测。

2 结果与讨论

2.1 二化螟对杀螟硫磷抗性的遗传力

用杀螟硫磷对二化螟 3 龄幼虫进行连续 7 代的抗性选择后，其抗性上升了 14 倍。选择前后的 LC_{50}、毒力回归线的斜率以及由此得出的每一代表现型的平均选择反应 R、选择差数 S 和遗传力 h^2 的大小见表 1。

2.2 抗性发展速率的预测

根据以上分析得出的 h^2 的实验值，考虑以下三种情况下：（1）$h^2 = 0.5$，高于实验值；(2) $h^2 = 0.1$ 低于实验值和(3) h^2 为实验值的情况下，田间使用药剂防治的杀死率分别为 50%、60%、70%、80% 和 90% 时，如果抗性提高 10 倍(选择前后毒力回归线的斜

表 1 抗杀螟硫磷二化螟抗性遗传力的估算*

平均选择反应			平均选择差数						h^2
起 LC_{50}**	终 LC_{50}	R	P	i	起斜率	终斜率	δ_P	S	
−1.35	−0.191	0.166	29.7	1.159	2.10	1.79	0.514	0.596	0.28

* 起始种群为上海宝山，共选择 7 代。
** 为对数值。

率为 2.5，即 $\delta_p = 0.4$）则所需代数的预测情况见图 1。对于某一选择试验其选择是否有效，可根据短期选择（4—6 代）的结果作出判断[9]。就抗性筛选来说，如果室内短期选择后未发现选择反应，即 $h^2 = 0$，那么无论选择多长的世代结果都是一样：由于缺乏抗性基因(除了发生突变)，种群不能发生抗性。这里必须注意的是应排除因小样本造成抗性基因的遗漏。因此，通常所取的样本应足够大。如果抗性基因仅存在于样本中一个或少数几个个体中，在选择开始的几个世代 h^2 将比较低；随着抗性基因频率的增加 h^2 增大；但当抗性基因在种群中趋于固定时，h^2 又下降。相反，对抗性基因频率较高的野外群体进行选择试验时，h^2 随选择的进程而下降。用杀螟硫磷对二化螟进行连续 7 代的选择后发现，经过第一、二代的选择后其每代的平均选择反应 R 仅为 0.093，h^2 为 0.104。经过 7 代选择后 R 和 h^2 分别是 0.166 和 0.277。这一结果不仅表明该选择试验是有效的，且说明了在野外种群中对杀螟硫磷的抗性基因频率是较低的，累加遗传方差随选择的进程而呈现增加的趋势。这一结果正好与 Tabashnik[9] 用 Bt 和甲基乙酯磷(稻丰散)对小菜蛾进行抗性选择的结果相反。由于小菜蛾种群中起始抗性基因的频率较高，R 和 h^2 随选择的进程呈现下降的趋势。

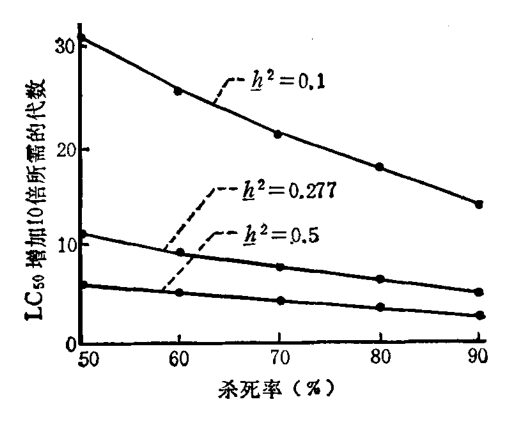


图 1 杀虫剂杀死率和抗性遗传力对抗性发展速率的影响

二化螟对杀螟硫磷抗性的遗传力（$i = 1.159, h^2 = 0.277$）与小菜蛾对甲基乙酯磷抗性的遗传力（$i = 0.798, 0.863; h^2 = 0.42, 0.39$；Tabashnik[9]）相比，显得其抗性变异中累加遗传方差所占的比例较低，其抗性发展的速率也较慢。图 1 显示了三种情况下（如前述)种群选择反应的比较结果。由于室内抗性的筛选环境条件比较固定，较野外的实际情况变化要小，因而环境方差 V_E 显然是低估的。这样就可能导致室内 h^2 的值偏高。因此，选择 h^2 小于实验值可能更接近于实际情况。在 $h^2 = 0.1$、药剂应用的效果即二化螟杀死率为 50%—90% 时，抗性提高 10 倍所需的代数达 32—15 代。即使在 $h^2 = 0.277$（实验值)的情况下也需 12—6 代。尽管这一预测结果并不可能很准确，但至少反应了二化螟对杀螟硫磷抗性发展的趋势，即在野外条件下产生高抗性的可能性是很小的。抗性动态变化的监测结果也有力地支持了这一结论。根据对安徽、江苏等不同地区二化螟种

群对杀螟硫磷敏感性的监测，发现在 1988—1992 年，除安徽安庆种群有较低水平的耐药能力提高外（5.5 倍），其他种群均未发现有明显变化[11]。鉴于这样的情况，在实施二化螟抗性治理策略时，杀螟硫磷的使用仍不失为有效的化学防治手段。

参 考 文 献

1 Georghiou G P, Taylor C E. Factors influencing the evolution of resistance, In Pesticide resistance: strategies and tactics for management. National Academy of Sciences, Washington, D. C. 1986, 157—169.

2 Tabashnik B E. Modeling and evolution of resistance management tactics, In B. E. Tabashnik & R. T. Roush (eds.), Pesticide resistance in arthropods. Chapman and Hall, New York and London. 1990, 153—182.

3 Keiding J. Prediction of resistance risk assessment, In Pesticide resistance: strategies and tactics for management. National Academy of Sciences, Washington, D. C. 1986, 279—297.

4 Firko M J, Hayes J L. Quantitative genetic tools for insecticide resistance assessment: estimating the heritability of resistance. J. Econ. Entomol. 1990, **83**: 647—654.

5 Firko M J, Hayes J L. Quantitative analysis of larval resistance to cypermethrin in tobacco budworm (Lepidoptera: Noctuidae). *J. Econ. Entomol.* 1991, **84**: 34—40.

6 Holloway C J. A theoretical examination of the classical theory of inheritance of insecticide resistance and the genetics of time to knockdown and dry body weight in *Sitophilus oryzae* (L.). Bull. Entomol. Res. 1986, **76**: 661—670.

7 Tabashnik B E, Cushing N L. Quantitative genetic analysis of insecticide resistance: variation in fervalerate tolerance in a diamondback moth population. J. Econ. Entomol. 1989, **82**:5—10.

8 Tanaka Y, Noppun V. Heritability estimates of phenthoate resistance in the diamondback moth. Entomol. Exp. Appl. 1989, **52**:39—47.

9 Tabashnik B E. Resistance risk assessment: realized heritability of resistance to *Bacillus thuringiensis* in diamondback moth, tobacco budworm and colorado potato beetle. J. Econ. Entomol. 1992, **85** (5):1551—1559.

10 Falconer D S. Introduction to Quantitative Genetics, 3rd ed. Longman, New York. 1989.

11 Tan Jinguo, Zhou Baohua. Monitoring of insecticide resistance of rice stem borer, *Chilo suppressalis* (Walker), and studies on the monitoring method. Resistant Pest Management. 1993, **5** (1): 11—13.

ESTIMATION OF REALIZED HERITABILITY OF RESISTANCE TO FENITROTHION IN THE RICE STEM BORER *CHILO SUPPRESSALIS*

Han Qifa Zhuang Peijun Tang Zhenhua

(*Shanghai Institute of Entomology, Academia Sinica Shanghai* 200025)

Abstract With the method of probit analysis, we estimated the realized heritability (h^2) of resistance to fenitrothion in the rice stem borer (*Chilo suppressalis* Walker). The results demonstrated that tolerant phenotypes in the observed population are lowly heritable ($h^2 = 0.277$) and that the population has no potential for higher increase in tolerance to fenitrothion. Under the circumstances of laboratory selection, the population has to propagate about 6—12 generations to acquire 10-fold resistance to fenitrothion, and it takes a longer time (16—35 generations) for the field population to do so. Our results suggest that the risk to developing high resistance to fenitrothion is small and thus, fenitrothion should be considered as an effective chemical agent in the system of insecticide resistance management for the rice stem borer.

Key words *Chilo suppressalis*, insecticide resistance, fenitrothion, heritability, resistance risk assessment